

Figure 1

	1	60
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	MGQ-CYGKGASGRTADDEGGVVTEHQSPPPANGLPSTPPRQQAQAQAQVGTPRRRGSKS	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	MGNTCVGPSITMNGFFQSVSTAL-WKTPOEGDALPAAANGPGGPAGA-----GSQS	
SEQ ID NO:18	MGQ-CYGKARGASSRAD-----HDADPSGAG-SVAPPSPLPANGAPLPATPRRH--KS	
SEQ ID NO:19	MGI-CHGKPVEQQSKS-----LPVSGETNEAPTNSQPPAK-----	
	61	120
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	GSTTPGHQ-----TPGVA-WSPYPSPGGASPLPAGVSPSPA-----RSTPRRFFKRPFPF	
SEQ ID NO:6	-----NPSXLPSWFKNSPSSNSNPSSXPLXIFKXPFPF	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	ALPKPASDVHHVAVQSEAPEPVKIAAYHSEPAPAVRSEAPEPVKIAASHSE-----PA	
SEQ ID NO:18	GSTTPVHH-HQAATPGAAAWSPYPAGGASPLPAGVSPSPA-----RSTPRRFFKRPFPF	
SEQ ID NO:19	-----SSGFPPYSPSPVPSLFFKSSPSVSSSVSSTPLRIFKRPFPF	
	121	180
SEQ ID NO:2	-----PPVKRVSSAGLLVGSV	
SEQ ID NO:4	PSPAKHIKATLAKRLGGGKPKGTIPEEGVGAGGGGG-----GAADGAETERPLDKT	
SEQ ID NO:6	PSPAKHIRALLARXHGSVKPNEASIPE-----ASXCELGLDKS	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	PMAAKP-----GGAAANASPSPSRPRPQVKRVSSAGLLVGSV	
SEQ ID NO:18	PSPAKHIKATLAKRLGGGKPKGTIPEEGGAGAGAGAGAGAAVGAADSAEADRPLDKT	
SEQ ID NO:19	PSPAKHIRAFLARRYGSVKPNEVSIPE-----GKECEIGLDKS	
	181	240
SEQ ID NO:2	LKRRTENLKDKYSLGRRLGQGQFGTTYLCVERAT-----GKEFACKSILKX-LVTDDDVE	
SEQ ID NO:4	FGF-SKNFGAKYELGKEVGRGHFG--HTCSAVVKKGEYKGQTVAVKIIAKAMTTAISIE	
SEQ ID NO:6	FGF-AKQFSAHYELSDXGRGHFG--YTCSAKGKKGAFLKGLNAVVKVIPKAMTTAIAIE	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	LRRKTENLKDKYSLGRRLGQGQFGTTHLCVERAT-----GKELACKSILKRKLGSDDDVE	
SEQ ID NO:18	FGF-AKNFGAKYDLGKEVGRGHFG--HTCSAVVKKGEHKGHTVAVKIIKAKAMTTAISIE	
SEQ ID NO:19	FGF-SKQFASHYEIDGEGVGRGHFG--YTCSAKGKKGSLKGQEVAVVKIPKSKMTTAIAIE	
	241	300
SEQ ID NO:2	DVRREIQIMHHLAGHPNVISIRGAYEDAVAV-----	
SEQ ID NO:4	DVRREVKILRALSGHNNLVKFYDACEDGLNVYIVMELCEGGELLDRLARGGRYTEEDAK	
SEQ ID NO:6	DVRREVKILRALTGHNVLQFYEAYEDD-----	
SEQ ID NO:8	-----ELLDKILARGGKYSEEDAK	
SEQ ID NO:17	DVRREIQIMHHLAGHPSVVGIRGAYEDAVAVHLMELCGGGELFDRIVRRG-HYTERKAA	
SEQ ID NO:18	DVRREVKILKALSGHDNLVRFYDACEDALNVYIVMELCEGGELLDRLARGGRYTEEDAK	
SEQ ID NO:19	DVSREVKMLRALTGHNVLQFYDAFEDDENVYIVMELCKGGELLDKILQRGGKYSEDDAK	
	301	360
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	AIVVQILSVVAFCHLQGVVHRDLKPENFLFTTRDENAPMKLIDFGLSDFIRPDERLNDIV	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	VVMLQILSVVSFCHLQGVVHRDLKPENFLFSSKEENSPLKVIDFGLSDFVVKPDERLNDIV	
SEQ ID NO:17	ELARVIVGVVEACHSMGMVHRDLKPENFLFADHSEEAAALKTIDFGLSIFFRPGQIFTDVV	
SEQ ID NO:18	AIVVQILSVVAFCHLQGVVHRDLKPENFLFTTRDESAPMKLIDFGLSDFIRPDERLNDIV	
SEQ ID NO:19	KVMVQILSVVAYCHLQGVVHRDLKPENFLFSTKDETSPLKAIDFGLSDYVVKPDERLNDIV	

Figure 1 (cont'd.)

	361	420
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	GSAYYVAPEVLHRSYSMEADIWSIGVITYILLCGSRPFWARTESGIFRSVLRADPNFDDS	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	GSAYYVAXEVLHRSYGTEGDMXSIGVIAIYILL-----	
SEQ ID NO:17	GSPYYVAPEVLKKRYGPEADVWSAGVIIYILLCGVPPFWAENEQGI FEEVLHGRLDFESE	
SEQ ID NO:18	GSAYYVAPEVLHRSYSMEADIWSIGVITYILLCGSRPFWARTESGIFRSVLRADPNFDDS	
SEQ ID NO:19	GSAYYVAPEVLHRTYGTADMWSIGVIAIYILLCGSRPFWARTESGIFRAVLKAEPNFEEA	
	421	480
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	PWPTVSAEAKDFVKRFLNKDYRKRM TAVQALHPWLR-DEQR-QIPLDILIFRLIKQYLR	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	PWPSISDGAKDLVRRMLVRDPRKRLTAHEVLRHPWVQVGGVAPDRPLDSAVLSRMKQFSA	
SEQ ID NO:18	PWPSVSAEAKDFVKRFLNKDYRKRM TAVQALHPWLR-DEQR-QIPLDILIFRLVKQYLR	
SEQ ID NO:19	PWPSLSPEAVDFVKRLLNKDYRKRLTAAQALCHPWL V-GSHELKIPSDMIIYKLVKVYIM	
	481	540
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	ATPLKRLALKALS KALREDELLYLKLQFKLLEP-RDGFVSLDNFRTALTRYLT DAMKESR	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	MNKLKKMALRVIAENLSEDEIAGLREMFKMIDADNSGQITFEELKVGLEKVGAN-LQESE	
SEQ ID NO:18	ATPLKRLALKALS KALSEDELLYLRLQFKLLEP-RDGFVSLDNFRTALTRYSTDAMRESR	
SEQ ID NO:19	STSLRKSALAALAKTLTVPQLAYLREQFTLLGPSKNGYISMQNYKTAILKSSTDAMKDSR	
	541	600
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	VLEFLHALEPLAYRRMDFEEFCAA AISPYQLEALERWEEIAGTAFQQFEQEGNRVISVEE	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	IYALMQAADVDNNGTIDYGEFIAATL---HLNKVER-EDHLFAAFQYFDKDGSGYITADE	
SEQ ID NO:18	VLEFQHALEPLAYRKMDFEEFCAA AISPYQLEALERWEEIAGTAFQHFEQEGNRVISVEE	
SEQ ID NO:19	VDFVHMISSCLQYKKLDFEEFCASALSVYQLEAMETWEQHARRAYELFEKDGNRPIMIEE	
	601	660
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	LA---QELNLAPTH--YSIVQDWIRKSDGKLNFLGFTKFLHGVTIRGSNTRR-----	
SEQ ID NO:6	-----	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	LQVACEEFGLGDVQ-LEDLIGEVDQDNDGRIDYNEFVAMMQKPTVGGSRRRPICRTASAS	
SEQ ID NO:18	LA---QELNLAPTH--YSIVQDWIRKSDGKLNFLGFTKFLHGVTIRGSNTRR-----	
SEQ ID NO:19	LA---SELGLGPSVPVHVVLQDWIRHSDGKLSFLGFLVRL LHGVSSR--TLQK-----	
	661	690
SEQ ID NO:2	-----	
SEQ ID NO:4	-----H	
SEQ ID NO:6	-----D	
SEQ ID NO:8	-----	
SEQ ID NO:17	GSASGSGRRSGWPRPLCLWLPCCLRVGVDD	
SEQ ID NO:18	-----H	
SEQ ID NO:19	-----A	

104150: 727500

Figure 2

1 60  
 SEQ ID NO:10 M-----ASVGVARSSLGFQN--GTSSSSDPDRLPNELGSMISIRDDKDVE  
 SEQ ID NO:12 M-----GSVXVAPSGLNNSSXTSMGA-----EKLDPQMHD LKIRDDKEXE  
 SEQ ID NO:14 MVFEQQQLKEKRDSAKMTSVGVAPTS-GLREASGHGAAGVDR-LPEEMNDMKIRDDREME  
 SEQ ID NO:16 M-----E-----HPAPAPEPMLLDEQPPTAVACE-----KKQQDGE  
 SEQ ID NO:21 M-----ASVGIAPNP-GARD-----STGVDK-LPEEMNDMKIRDDKEME  
 SEQ ID NO:22 M-----MASGGVAPAS-GFIDK-NASSVGVEK-LPEEMNDMKIRDDKEME  
 SEQ ID NO:23 M-----ASVGVAPTS-GFREVLDGEIGVDDILPEEMSDMKIRDDREME  
 SEQ ID NO:24 M-----ASLPLGPQPHALAPPLQLHDGDALKRRPE-----LDS DKEMS

61 120  
 SEQ ID NO:10 D-IVVNGNGAEPGHIIVTSIDGRNGQAKQTISYMAERVVGHGSFGTVFQAKCLETGETVA  
 SEQ ID NO:12 XXTIINXXGTEXGHIIVTTTGGXNGXPKXTVSYMAXRIVGQGSFGIVFQAKFWRQGETVA  
 SEQ ID NO:14 A-TVVDGNGTETGHIIVTTIGGRNGQPKQTISYMAERVVGHGSFGVVFQAKCLETGETVA  
 SEQ ID NO:16 AP-YAEGNDAMTGHIISTTIGGKNGEPKQTISYMAERVVGTGSFGIVFQAKCLETGEMVG  
 SEQ ID NO:21 A-TVVDGNGTETGHIIVTTIGGRNGQPKQTISYMAERVVGHGSFGVVFQAKCLETGETVA  
 SEQ ID NO:22 AATIVDNGTETGHIIVTTIGGKNGQPKQTISYMAERVVGHGSFGVVFQAKCLETGETVA  
 SEQ ID NO:23 A-TVVDGNGTETGHIIVTTIGGRNGQPKQTISYMAERVVGHGSFGVVFQAKCLETGETVA  
 SEQ ID NO:24 AA-VIEGNDAVTGHIISTTIGGKNGEPKQTISYMAERVVGTGSFGIVFQAKCLETGESVA

121 180  
 SEQ ID NO:10 IKKVLQDKRYKNRELQTMRLVDHPNVVALKHCFFSKTEKEELYLNLVLEYVPETAHRVIK  
 SEQ ID NO:12 IKXVL-----  
 SEQ ID NO:14 IKKVLQDKRYKNRELQTMRLLDHPNVVALKHCFSTTEKDELYLNLVLEYVPETVNRVIK  
 SEQ ID NO:16 IKKVLQDRRYKNRELQLMRSMIHSNVVSLKHCFSTTSRDELFLNLVMEYVPETLYRVLK  
 SEQ ID NO:21 IKKVLQDRRYKNRELQTMRLLDHPNVVSLKHCFSTTEKDELYLNLVLEYVPETVHRVIK  
 SEQ ID NO:22 IKKVLQDKRYKNRELQTMRLLDHPNVVSLKHCFSTTEKDELYLNLVLEYVPETVSRVIR  
 SEQ ID NO:23 IKKVLQDKRYKNRELQTMRLLDHPNVVSLKHCFSTTEKDELYLNLVLEYVPETVHRVIK  
 SEQ ID NO:24 IKKVLQDRRYKNRELQLMRPM DHPNVISLKHCFSTTSRDELFLNLVMEYVPETLYRVLR

181 240  
 SEQ ID NO:10 HYNKMNQRMPLIYAKLYMYQICRALAYIHNSIGVCHRD IKPQNLLVNPHTHQLKLCDFGS  
 SEQ ID NO:12 -----  
 SEQ ID NO:14 HYNKFNQRMPLIYVKLYTYQIFRALSYIHRCIGVCHRD IKPQNLLVNPHTH QVKLCDFGS  
 SEQ ID NO:16 HYSNANQGMPLIYVKLYMYQLFRGLAYVHTVPGVCHRDVKPQNVLVDPLTHQVKICDFGS  
 SEQ ID NO:21 HYNKLNQRMPLIYVKLYTYQIFRALSYIHRCIGVCHRD IKPQNLLVNPHTH QVKLCDFGS  
 SEQ ID NO:22 HYNKMNQRMPLIYVKLYSYQICRALAYIHNSIGVCHRD IKPQNLLVNPHTH QLKICDFGS  
 SEQ ID NO:23 HYSKLNQRMPLIYVKLYTYQIFRALSYIHRCIGVCHRD IKPQNLLVNPHTH QVKLCDFGS  
 SEQ ID NO:24 HYTSSNQRMPIFYVKLYTYQIFRGLAYIHTVPGVCHRDVKPQNLLVDPLTHQVKLCDFGS

241 300  
 SEQ ID NO:10 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDVGSAGCVLAELL LGQPLFPGESGV  
 SEQ ID NO:12 -----  
 SEQ ID NO:14 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDVWSVGC VLAELL LGQPLFPGESGV  
 SEQ ID NO:16 AKVLVPGE PNIA YICSRYYRAPELIFGATEYTTSIDIWSAGCVLAELL LGQPLFPGETAV  
 SEQ ID NO:21 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDVWSAGCVLAELL LGQPLFPGESGV  
 SEQ ID NO:22 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDIWSAGCVLGELL LGQPLFPGESGV  
 SEQ ID NO:23 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTTAIDVWSVGC VLAELL LGQPLFPGERGV  
 SEQ ID NO:24 AKVLVKGEPNISYICSRYYRAPELIFGATEYTASIDIWSAGCVLAELL LGQPLFPGENSV

GenSeq: F41566

THE  
LIBRARY  
OF THE  
CONGRESS  
READERS  
ROOM  
510  
CAPITOL BUILDING  
WASHINGTON, D.C. 20540

4/4